

Lignées d'addition sur l'espèce *G. hirsutum* L.

III. Evolution d'une collection de lignées d'addition de *G. anomalum* et de *G. stocksii* sur *G. hirsutum* après plusieurs générations d'autofécondation

B. HAU *

RÉSUMÉ

Une collection de lignées d'addition de chromosomes de *G. anomalum* et de *G. stocksii* a été maintenue en autofécondation à Bouaké (Côte-d'Ivoire) pendant respectivement 17 et 13 générations. L'ensemble de cette population a été étudiée. Au niveau caryologique, peu de modifications sont enregistrées en ce qui concerne les chromosomes en addition, hormis l'apparition de lignées disomiques presque stables chez lesquelles l'apparition de 27 bivalents est pratiquement systématique. L'étude du taux de transmission semble mettre en évidence une amélioration du passage du chromosome surnuméraire par rapport aux premières générations, mais l'explication d'un tel phénomène reste difficile. Enfin, parmi les plants à garniture chromosomique normale, on découvre des types manifestement introgressés du chromosome d'addition de la lignée dont ils sont issus, mais également d'autres types de plants de génotype apparemment différents de celui d'un cotonnier normal. De façon plus générale, l'ensemble de la population euploïde, une fois écartés les plants de phénotype remarquable, exprime une variabilité apparemment plus importante que celle que l'on peut enregistrer dans une lignée pure de cotonnier. Cette dernière constatation donne tout son sens à la technique des lignées d'addition pour l'amélioration du cotonnier.

Mots clés : *G. hirsutum*, *G. anomalum*, *G. stocksii*, lignée d'addition, taux de transmission d'un chromosome, type introgressé, variabilité.

INTRODUCTION

A la suite de travaux réalisés à Bouaké (Côte-d'Ivoire) dans les années 1964 à 1967, POISSON (1970) isole huit types d'additions différents de *G. anomalum* sur *G. hirsutum*, et SCHWENDIMAN (1978) six types. Ce matériel a ensuite été maintenu en collection autofécondée pendant plusieurs générations. En 1977, les lignées d'addition de *G. anomalum* avaient subi 17 cycles d'autofécondation et celles de *G. stocksii*, 13. Il nous est alors apparu intéressant d'étudier cette population de lignées pour déceler une éventuelle évolution depuis l'époque de leur création.

Seules, cinq lignées d'addition de *G. anomalum* (B1.I, B1.III, B1.V, B1.VI, B1.VIII) et cinq de *G. stocksii* (E1.I, E1.III, E1.V, E1.VI, E1.IX) étaient encore présentes dans la collection de Bouaké. Les phénotypes des plants possédant un chromosome supplémentaire étaient remarquablement semblables aux premières descriptions qui en avaient été faites (HAU, 1981). A cela rien de très étonnant puisque, au cours des différents cycles d'autofécondation, seuls

les phénotypes correspondant aux descriptions connues étaient sélectionnés pour servir de semences l'année suivante. Ce type de sélection a donc retenu les chromosomes qui étaient semblables au type original, et éliminé systématiquement ceux qui avaient pu évoluer par introgression en provenance de ses homéologues de *G. hirsutum*.

Mais, parmi la population constituée par les plants euploïdes descendant des lignées d'addition, on remarque l'apparition d'une variabilité nouvelle : plants possédant des caractéristiques du phénotype du chromosome d'addition dont ils sont issus et pour lesquels l'introgression en provenance de celui-ci est évidente, mais également d'autres types de plants de génotype apparemment différent d'un type *G. hirsutum* normal.

Cette collection de lignées d'addition a donc été étudiée au cours des années 1977, 1978 et 1979 sous trois aspects : observation de la méiose, étude des taux de transmission des chromosomes supplémentaires, évaluation de la variabilité des plants euploïdes (en séparant les types manifestement introgressés, les phénotypes particuliers et les plants apparemment normaux).

* Laboratoire de Cytogénétique I.R.C.T., B.P. 604, Bouaké (Côte-d'Ivoire).

1. OBSERVATION DE LA MÉIOSE

a) Types d'addition monosomique

A la métaphase I des lignées d'addition monosomique, on observe, dans le cas général, 26 bivalents parfaitement appariés et un univalent, parfois orienté, le plus souvent nettement en dehors de l'alignement des bivalents. Certains chromosomes semblent provoquer un taux d'asynapse élevé chez *G. hirsutum* (chromosome III - SCHWENDEMAR, 1978).

Après la métaphase I, le chromosome peut participer aux anaphases de *G. hirsutum* ou bien rester en dehors et disparaître isolé dans le cytoplasme, hors des noyaux, après les télophases. Ce phénomène explique le taux de transmission, inférieur au taux théorique de 50% en général, du chromosome surnuméraire.

Parfois le chromosome d'addition peut former une association avec des chromosomes de *G. hirsutum*. Ces appariements sont rares à la métaphase I. POISSON (1970) signale que sur 1837 méiotes, dans des types d'addition de *G. anomalum*, il n'a observé que 48 fois un trivalent et 21 fois trois univalents. 3% environ des cellules sont donc susceptibles de donner des gamètes différents de ceux qui sont à l'origine, soit d'un cotonnier normal, soit d'un cotonnier porteur d'un chromosome additionnel. Ce taux est certainement inférieur avec *G. stocksii*, vu la moindre affinité de ce génome avec ceux de *G. hirsutum*.

Il faut toutefois préciser que l'absence de trivalent en métaphase I ne nous autorise pas à rejeter la possibilité d'une introgression à des stades antérieurs où l'observation au microscope n'est pratiquement pas possible.

b) Types d'addition disomique

L'autofécondation des types d'addition monosomique permet d'obtenir une descendance dans laquelle se retrouvent quelques types possédant le chromosome supplémentaire en deux exemplaires. POISSON (1970), étudiant la caryologie de ces plants,

montre qu'il existe une forte fluctuation d'appariement entre ces deux chromosomes en surnombre, bien qu'ils soient identiques. Cette difficulté d'appariement entraîne une instabilité de la plupart des races d'addition disomiques qui ne parviennent pas à se maintenir au niveau de 27 paires de chromosomes.

Il arrive parfois que certaines souches donnent naissance à des lignées relativement stables. Dans ce cas, les mécanismes de contrôle de l'appariement de *G. hirsutum* semblent fonctionner différemment et la vingt-septième paire de chromosomes parvient à former un bivalent de façon presque systématique. Nous avons trouvé deux souches dans la lignée d'addition BI-VI qui possédaient ce comportement.

c) Types introgressés

La métaphase I des types introgressés peut différer suivant que le chromosome recombiné est en simple ou double exemplaire. Dans le cas de l'hétérozygote introgressé, l'appariement des deux chromosomes concernés s'effectue généralement par un bras (bivalent droit). L'aspect de ce bivalent peut être très dissymétrique, prouvant la différence structurale existant entre les deux matériels appariés (bivalent hétéromorphe).

Dans le type homozygote d'introgression, l'appariement de la paire partiellement substituée se fait par les deux bras. Au bout de plusieurs générations d'autofécondation, après diverses recombinaisons entre le chromosome du cotonnier et le fragment substitué, l'appariement de la paire introgressée peut, même chez le type hétérozygote de substitution, donner naissance à un bivalent apparemment normal.

POISSON (1970) affirme que les recombinaisons se réalisent entre chromosomes homéologues. Les substitutions partielles sur d'autres chromosomes devraient provoquer, en effet, des génotypes peu viables chez le cotonnier qui supporterait mal une structure à la fois nullisomique pour le fragment chromosomique perdu et disomique pour le fragment chromosomique ajouté.

2. LA TRANSMISSION DES CHROMOSOMES SURNUMÉRAIRES DE *G. anomalum* ET DE *G. stocksii* DANS LES LIGNÉES D'ADDITION

Sept types de plants d'addition monosomique (BI.III, BI.VI, BI.VIII de *G. anomalum*; EI.I, EI.III, EI.VI et EI.IX de *G. stocksii*) ont été croisés dans les deux sens par la variété *G. hirsutum* « Allen 333.57 ». L'analyse des descendance, basée sur l'observation du phénotype, permet d'apprécier le taux de transmission du chromosome surnuméraire. Dans le cas des croisements avec *G. hirsutum* pris comme femelle, les résultats permettent d'esimer la transmission par le gamète mâle et, inversement,

lorsque *G. hirsutum* est pris comme mâle, par le gamète femelle.

Pour éviter, autant que possible, les inconvénients dus à la moindre vigueur des types d'addition, les graines étaient semées en godets de terre compressée et mises à germer sous arrosage contrôlé avant d'être transplantées au champ.

Le tableau 1 présente les résultats obtenus au cours de ces expériences de recouvrement des chro-

Tableau 1. — *Taux de transmission des gamètes aneuploïdes en croisement avec G. hirsutum*

Chromosome	Numéro de la génération de la lignée	Gamète aneuploïde femelle			Gamète aneuploïde mâle		
		Total populat.	Type à 53 chr.	Taux de transmission	Total populat.	Type à 53 chr.	Taux de transmission
B1.III	F 17	63	28	44,4 %			
	F 18	202	72	35,6 %	97	3	3,1 %
B1.VI	F 17	242	113	46,7 %			
B1.VIII	F 17	92	45	48,1 %	26	2	8,3 %
	F 18	113	61	51,7 %	17	2	11,8 %
E1.I	F 13	69	20	28,9 %	46	2	4,3 %
	F 14	139	54	42,2 %	101	9	8,2 %
E1.III	F 13	22	9	40,9 %	32	0	
	F 14	131	65	49,6 %			
E1.VI	F 13	121	44	36,4 %	12	0	
	F 14	253	104	41,1 %	62	4	6,5 %
E1.IX	F 15	39	11	28,2 %			

mosomes supplémentaires. On constate que les taux de transmission par le gamète femelle sont élevés (pratiquement parfait pour le chromosome B1.VIII), mais que des fluctuations annuelles sont parfois importantes (B1.III, E1.I, E1.III, E1.VI). Le gamète mâle aneuploïde, quant à lui, éprouve de grandes difficultés à transmettre le chromosome d'addition.

Par rapport aux chiffres de Poisson (1970) reportés au tableau 2 et qui concernent les premières générations des lignées d'addition de *G. anomalum* il semble qu'une amélioration du taux de transmission

par le gamète femelle se soit produite après 17 à 18 générations d'autofécondation. Par contre, le gamète mâle est resté toujours aussi peu compétitif vis-à-vis du grain de pollen euploïde. Notons que nous ne retrouvons pas le taux relativement élevé observé par Poisson avec le gamète mâle aneuploïde de B1.VIII.

L'analyse statistique fait apparaître, en croisement par Allen, une différence hautement significative entre les deux distributions constituées par les différents taux de transmission. Rappelons que les chif-

Tableau 2. — *Comparaison des taux de transmission chez Poisson (1970) et après plusieurs générations d'autofécondation (N = total population; t = taux de transmission)*

Chromosome	Gamète aneuploïde femelle				Gamète aneuploïde mâle			
	Poisson (1970)		F 17 + F 18		Poisson (1970)		F 17 + F 18	
	N	t %	N	t %	N	t %	N	t %
B1.I	1 253	30,8					97	5,89
B1.III	76	26,2	265	37,7	615	8,8		
B1.IV	31	39,2						
B1.V	331	33,8						
B1.VI	71	32,4	242	46,7				
B1.VIII	112	34,8	210	50,5	110	23,1	43	5,52
Moyenne écart type ...		32,8 2,66		44,9 3,01		15,3 8,11		3,1 9,5
Bartlett	dl 1 $\chi^2 = 0,3444$				dl 1 $\chi^2 = 0,0939$			
Test F	dl 1/7 F = 11,04 (S)				dl 1/2 F = 1,66 (NS)			

frés de nos ségrégations varient dans des limites plus larges, d'une année sur l'autre, que celles de Poisson. Toutefois, les taux de transmission que nous avons mesurés sont toujours supérieurs à ceux de Poisson et nous notons chez B1.VIII un taux de transmission régulièrement proche de 50 % (48,1 % en 1978 ; 51,7 % en 1979).

Nous pouvons donc conclure à une amélioration du taux de transmission des chromosomes par le gamète femelle après 17 générations d'autofécondation des types d'addition monosomique. Il est très difficile de donner une explication à ce phénomène et nous ne pourrions proposer que quelques hypothèses.

Poisson (1970) a montré que le chromosome surnuméraire restait inclus après la deuxième anaphase des cellules mères des spores dans 27 % des cas, ce qui est bien supérieur au taux de transmission effectif par le pollen mais qui, par contre, se trouve être très proche du taux de transmission moyen enregistré à cette époque pour le gamète femelle. On peut donc conclure qu'il n'y a pas, au contraire du gamète mâle, de sélection gamétique pour le gamète femelle. D'ailleurs, les taux d'avortement d'ovules que nous notons dans les types d'addition monosomique ne sont pas liés à la transmission du chromosome surnuméraire : les lignées B1.VI et E1.VI possèdent les plus forts taux d'avortement et bénéficient de taux de transmission parmi les meilleurs.

Une amélioration du taux de transmission par le gamète femelle ne peut donc s'expliquer que par une meilleure probabilité d'incorporation du chromosome surnuméraire à l'intérieur d'un gamète à l'issue des télophases.

Il est possible que cette variation des taux de transmission traduise, au niveau cytologique, l'existence d'accidents divers qui rendent certains chromosomes plus faciles à transmettre que d'autres. Poisson (1970) avait montré qu'un télosome du chromosome I se transmettait avec une fréquence bien supérieure à celle du chromosome entier. Mais un tel phénomène devrait se traduire par une modification des phénotypes d'addition que nous ne constatons pas et nous n'avons pas observé de chromosomes fragmentés au cours des analyses de nos souches d'addition (sauf un cas de télosome dans une addition disomique de E1.I).

Une autre hypothèse serait que le chromosome additionnel soit plus fréquemment inclus dans des associations trivalentes avec des chromosomes de *G. hirsutum*. Nous n'en avons pas vu, mais celles-ci peuvent échapper à l'observation en se produisant à des stades antérieurs à la métaphase I. Il est possible également que nous n'ayons pas examiné un nombre suffisant de plaques métaphasiques pour avoir l'occasion d'en découvrir. Si, au fil des générations, des introgressions de matériel étranger sur des chromosomes de *G. hirsutum* se sont produites (ou inversement, des introgressions de *G. hirsutum* sur le chromosome d'addition), le chromosome surnuméraire peut être amené à s'apparier, même passagèrement, à son homéologue et se retrouve mieux situé dans l'espace pour participer avec les autres chromosomes aux différentes phases de la méiose.

Enfin, il ne faut pas écarter la possibilité d'une amélioration des mécanismes de régulation de la méiose et une meilleure intégration du chromosome surnuméraire à l'ensemble du stock chromosomique de la cellule.

3. DESCRIPTION DE TYPES INTROGRESSÉS

Le phénomène dont les conséquences pratiques en amélioration des plantes est le plus important, est la possibilité d'apparition de souches dont la garniture chromosomique est normale (52 chromosomes), mais exprimant, par leur phénotype, la présence de gènes provenant du chromosome d'addition. Ces plants récupèrent en général un niveau de fertilité normal, ce qui prouve que l'effet dépressif enregistré dans les types d'addition monosomique est plus dû à la configuration caryologique de ces plants qu'à la présence de gènes défavorables.

Dans la collection de lignées d'addition de *G. hirsutum* que nous possédons à Bouaké, plusieurs types introgressés ont pu être isolés. Nous allons les décrire ici au niveau des caractéristiques qualitatives et quantitatives de leur phénotype.

Chromosome B1.I (tableau 3)

Dans notre collection, le chromosome B1.I

n'existe plus à l'état d'addition. Les descendances de cette lignée sont euploïdes, mais certains aspects du phénotype (tache du pétale, pigmentation anthocyanique de la tige, coloration brune de la fibre) indiquent qu'une partie du chromosome d'addition s'est substituée à son homéologue de *G. hirsutum*.

A part une légère baisse du poids capsulaire, les caractéristiques agronomiques sont très semblables entre les types euploïdes, hétérozygotes et homozygotes d'introgression. Rendement en fibre et indice micronaire paraissent légèrement améliorés. La ténacité diminue. Le type introgressé que nous possédons paraît donc différent des types analysés par Poisson (1970) où rendement en coton-graine, longueur de fibre et rendement à l'égrenage étaient sensiblement diminués.

Les valeurs de colorimétrie rendent compte de la teinte kaki de la fibre.

Tableau 3. — *Etude des caractères quantitatifs de la lignée de substitution du chromosome B1.I*

a) Caractéristiques agronomiques

Type de plant	Nombre de plants analysés	Nombre de graines/caps.	% d'ovules avortés	S.I. (g)	P.M.C. (g)	Production (g/souches)	Hauteur (en cm)
Homozygote normal	4	30,6	9,6	10,4	5,85	259,0	139,2
Hétérozygote introgressé ..	6	28,8	8,0	10,7	5,46	267,5	143,7
Homozygote introgressé ..	8	25,8	12,6	10,4	4,33	230,8	144,5
Test de Bartlett χ^2	dl 2	0,1886	1,6125	0,3290	0,2148	5,6265	2,5813
Signification							
Test de « F »	dl 2/15	3,43	1,85	0,18	5,07	0,32	0,10
Signification					+		

b) Caractéristiques technologiques

Type de plant	Nombre de plants analysés	% F	Longueur		IM	IP	Stélomètre		Colorimètre	
			2,5 %	UR			T 1	E 1	Rd	+ b
Homozygote normal	12	35,84	28,8	47,7	3,68	82,2	19,1	6,6	73,0	10,1
Hétérozygote introgressé	10	37,86	28,2	47,7	4,14	87,2	18,1	7,0	64,2	12,2
Homozygote introgressé	26	36,25	28,0	46,2	4,10	86,2	17,3	6,9	54,2	15,0
Test de Bartlett χ^2	dl 2	0,9614	7,163	3,819	0,018	83,01	4,80	2,921	2,163	0,90
Signification ..			+			++				
Test de « F » ..	dl 2/45	3,77		2,72	1,29		11,56	1,01	319,5	191,0
Signification ..							++		++	++

+ = significatif à $P < 0,05$; ++ = significatif à $P < 0,01$.

Chromosome B1.V (tableau 4)

Le chromosome B1.V de *G. anomalum* n'existe plus à l'état d'addition dans la collection de Bouaké. Les plants de cette lignée ont un phénotype très caractéristique, mais sont bien euploïdes. Un fragment du chromosome d'addition est donc introgressé sur *G. hirsutum*.

L'aspect de notre lignée est semblable à celui du type d'addition tel que le décrit Poisson (ce qui laisse supposer que le fragment introgressé a été très important): « L'addition monosomique provoque une modification de la forme des feuilles qui prennent une allure générale plus arrondie, les lobes étant plus courts. La fibre a une coloration brune, les fleurs sont de taille normale, mais le style surplombe nettement la colonne staminale. Enfin, une pilosité abondante est répartie sur l'ensemble du plant. » A

cette description du type d'addition monosomique, nous ajouterons, pour décrire le phénotype de notre lignée introgressée, que le coton s'ouvre en gardant la forme de la loge carpellaire et tombe facilement à terre.

Pour les caractères quantitatifs, des différences notables avec le type d'addition apparaissent: le rendement en fibre, peu changé dans le type introgressé hétérozygote, est fortement augmenté chez l'homozygote, ce qui peut paraître surprenant lorsque l'on sait l'influence négative de B1.V à l'état d'addition sur ce caractère (Poisson, 1970). La longueur et la résistance de la fibre sont diminuées, tandis que le micronaire est très sensiblement augmenté. Les valeurs de colorimétrie montrent que la couleur de la fibre est plus foncée que celle des génotypes B1.I ou E1.I.

Tableau 4. — *Etude des caractères quantitatifs de la lignée de substitution du chromosome B1.V*

a) Caractéristiques agronomiques

Type de plant	Nombre de plants analysés	Nombre de gr./caps.	% d'ovules avortés	S.I. (g)	P.M.C. (g)	Prod. (g par souche)	Hauteur (en cm)
Homozygote introgressé ..	40	21,4	18,7	6,29	2,89	109,88	114,5

b) Caractéristiques technologiques

Type de plant	Nombre de plants analysés	% F	Longueur		IM	IP	Stelomètre		Colorimètre	
			2,5 %	UR			T 1	E 1	Rd	+ b
Homozygote normal	7	40,82	27,9	49,3	3,28	82,2	19,5	6,2	70,4	11,1
Hétérozygote introgressé ..	9	40,83	27,0	50,8	3,81	81,5	19,4	6,9	64,6	13,6
Homozygote introgressé ...	11	46,89	21,4	49,8	4,52	75,6	17,3	8,0	44,4	19,0
Test de Bartlett χ^2	dl 2	5,6680	0,949	2,449	2,397	0,750	1,832	1,445	9,41	1,95
Signification ..									++	
Test de « F » ..	dl 2/24	60,17	77,23	0,82	8,43	8,90	8,87	21,18		164
Signification ..		++	++		++	++	++	+-		++

+ = significatif à $P < 0,05$; +- = significatif à $P < 0,01$.

Chromosome E1.V (tableau 5)

Ce chromosome est le seul parmi ceux de *G. stocksii* à avoir disparu à l'état d'addition: la caryologie effectuée sur les plants de cette descendance a permis de mettre en évidence le retour au niveau euploïde des plants de cette lignée. Deux types de substitution partielle ont été observés.

Les deux lignées introgressées ont la même allure générale qui rappelle en tout point les phénotypes d'addition, tel que le décrit SCHWENDIMAN (1974) et qui est le même que celui du chromosome B1.V. L'apparence du coton-graine au moment de sa sortie de la capsule permet de distinguer deux types:

Type I:

Le coton s'ouvre groupé en gardant la forme de la loge carpellaire et tombe facilement à terre

(comme dans la lignée substituée de B1.V). La fibre est très colorée.

Type II:

La coloration de la fibre est plus claire; le coton sort de la capsule comme chez *G. hirsutum* et ne tombe pas à terre.

La productivité de ces deux types introgressés est bonne et non significativement différente de *G. hirsutum*. Les capsules sont nombreuses, petites et contiennent peu de graines, le seed index est diminué. Comme avec B1.V, le rendement en fibre est amélioré, plus chez le type I que chez le type II, ainsi que l'indice micronaire (surtout pour le type II). La longueur de la fibre est diminuée de 5 mm et la résistance semble plus affectée chez le type I que chez le type II (la comparaison des types I et II n'a été réalisée que sur les plants homozygotes d'introgession).

Tableau 5. — *Etude des caractères quantitatifs de la lignée de substitution du chromosome B1.V*

a) Caractéristiques agronomiques

Type de plant	Nombre de plants analysés	Nombre de gr./caps.	% d'ovules avortés	S.I. (g)	P.M.C. (g)	Product. (g par souche)	Hauteur (en cm)
Homozygote normal	4	29,4	11,3	9,93	5,2	188,1	118,7
Hétérozygote introgressé I ..	1	(27,0)	(36,8)	(9,60)	(4,3)	(248,8)	(115,0)
Homozygote introgressé I et II	33	26,9	36,1	8,12	4,2	213,3	147,9
Test de Bartlett							
χ^2	dl 1	0,0084	0,067	0,676	0,2534	0,032	0,005
Signification ..							
Test de « F » ..	dl 1/35	1,43	93,97	11,64	4,42	0,38	6,78
Signification ..			++	++	+		+

b) Caractéristiques technologiques

Type de plant	Nombre de plants analysés	% F	Longueur		IM	IP	Stélomètre		Colorimètre	
			2,5 %	UR			T 1	E 1	Rd	+ b
Homozygote normal (1)	4	(37,1)	(27,2)	(49,2)	(4,23)	(78,0)	(18,2)	(7,9)	(75,5)	(9,2)
Hétérozygote introgressé I ..	1	(37,2)	(25,6)	(50,2)	(5,47)	(74,2)	(17,8)	(7,6)	(59,0)	(14,1)
Homozygote introgressé I ..	9	43,5	21,6	51,0	4,21	74,4	16,4	7,4	44,1	18,2
Homozygote introgressé II ..	23	40,2	23,5	50,4	4,65	77,0	17,9	6,6	47,8	17,1
Test de Bartlett										
χ^2	dl 1	1,159	3,212	2,979	0,6487	2,549	1,694	0,739	2,02	0,40
Signification ..										
Test de « F » ..	dl 1/30	23,05	19,39	0,46	6,43	6,84	9,28	14,19	38,16	40,5
Signification ..		++	++		+	+	+	++	++	++

+ = significatif à $P < 0,05$; ++ = significatif à $P < 0,01$.

(1) Les valeurs entre parenthèses ne participent pas à l'interprétation statistique.

Chromosome B1.VI (tableau 6)

La lignée introgressée du chromosome B1.VI est, par son allure, semblable aux types d'addition monosomique, à la différence près que chez l'homozygote introgressé, la productivité n'est pas affectée et la capsule, de forme oblongue et pointue, est complètement glandless. Ce caractère fait penser au gène gl 1 de *G. hirsutum*, malheureusement non localisé avec précision.

Rendement en fibre, longueur et micronaire sont très affectés dans l'hétérozygote d'introgression.

L'homozygote dépasse le niveau de l'addition disomique. Ce comportement de gènes abaissant les valeurs de certaines caractéristiques est intéressant. En addition monosomique, l'effet de ces gènes est très atténué. Il l'est moins dans l'addition disomique. Passés en substitution partielle, l'hétérozygote et l'homozygote introgressés réagissent beaucoup plus fortement. C'est le seul exemple dans notre collection où l'on possède simultanément un type d'addition et un type de substitution partielle; il met en évidence l'effet stabilisateur des gènes de *G. hirsutum* sur le comportement d'un chromosome en addition.

Tableau 6. — *Etude des caractères quantitatifs de la lignée de substitution du chromosome B1.VI*

a) Caractéristiques agronomiques (1977)

Type de plant	Nombre de plants analysés	Nombre de gr./caps.	% d'ovules avortés	S.f. (g)	P.M.C. (g)	Product. (g par souche)	Hauteur (en cm)
Hétérozygote chr. introgr.	1	32,3	17,8	8,1	4,2	233,2	128

b) Caractéristiques technologiques (1978)

Type de plant	Nombre de plants analysés	% F	Longueur		IM	IP	Stélomètre		Colorimètre	
			2,5 %	UR			T 1	E 1	Rd	-- b
Homozygote normal	1	36,92	26,4	44,1	2,90	75,7	14,3	7,3	73	9,1
Hétérozygote introgressé	1	30,31	24,8	47,7	2,90	79,6	15,0	6,3	71	9,3
Homozygote introgressé	1	27,93	23,4	45,2	2,50	83,7	17,9	7,3	73	10,7

4. EXISTENCE DE PLANTS EXTÉRIORISANT UNE VARIABILITÉ NOUVELLE

Dans les ségrégations des différentes lignées d'addition de la collection de Bouaké, l'examen phénotypique permet d'isoler des plants qui diffèrent sensiblement du type *G. hirsutum* habituel: plants à branches fructifères courtes et entre-nœuds resserrés (type « cluster ») dans les lignées d'addition B1.III

et E1.III, extrémité des branches avec croissance en zigzag dans les lignées E1.VI et E1.VI et E1.VIII.

Ces plants remarquables ont été analysés cytologiquement et ont permis de constater des figures caryotypiques originales que nous avons rapportées au tableau 7.

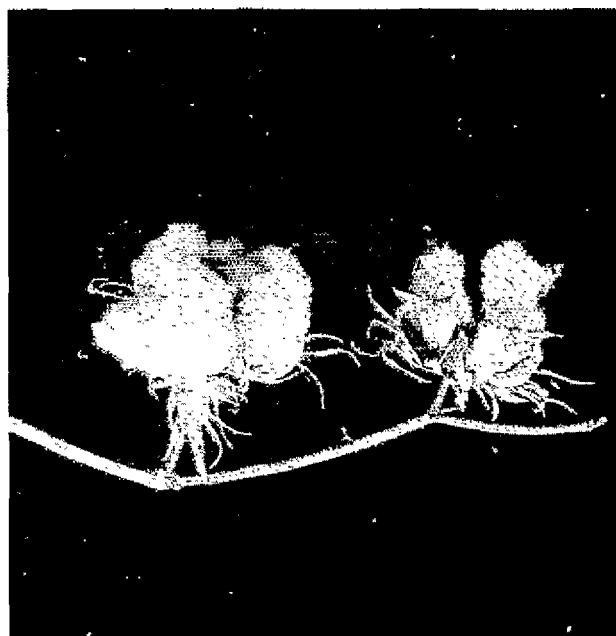
Tableau 7. — *Caryotypes de plants euploïdes remarquables isolés dans les descendance des lignées d'addition*

N° du plant	Lignée d'addition	Phénotype	Caryologie	Nb de CM obs.
S 400-3	E1.I	Feuille plus petite que chez <i>G. hirsutum</i> . Tige rouge. Couleur de la plante sombre. Fibre blanche.	26II dont 1 droit 24II + 1IV	2 CM 1 CM
S 331-3	B1.III	Croissance en zigzag. Grandes feuilles de couleur sombre. Présence de deux capsules sur deux pédoncules partant du même nœud.	26II 24II + 4I 24II + 1IV 22II + 2IV 22II + 1IV + 4I	4 CM 1 CM 3 CM 2 CM 1 CM
S 332-5	B1.III	Taille normale du plant, mais très grosse feuille de surface pratiquement double de celle de <i>G. hirsutum</i> .	26II 24II + 1IV	20 CM 2 CM
S 403-9	B1.III	Plant rachitique de phénotype rappelant celui provoqué par les gènes « cluster ».	25II + 2I 26II dont 1 droit	3 CM 2 CM
S 357-4	E1.III	Grand plant. Branches ayant une croissance en zigzag. Entre-nœuds courts. Feuille vert sombre.	26II 24II + 1IV	15 CM 4 CM

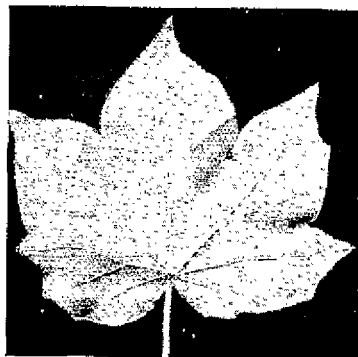
Planche 3. — *Les types de substitution partielle*



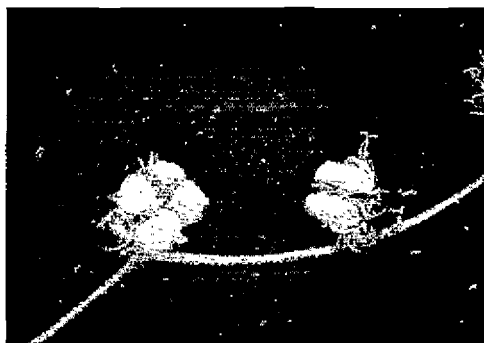
† B1.I



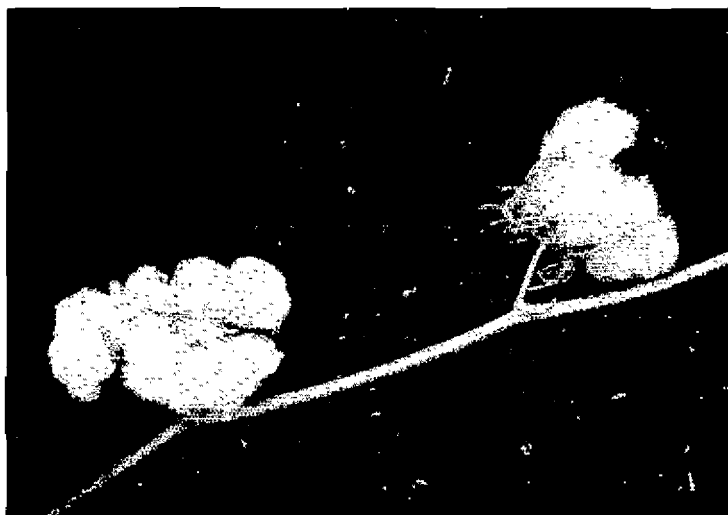
B1.V :



→
B1.V



←
E1.V
type I



←
E1.V type II

Les plants signalés ici comme possédant des phénotypes remarquables se retrouvent en plusieurs exemplaires, parfois, dans la descendance d'une lignée. L'analyse cytologique montre l'existence de quadrivalents, indices de translocation réciproque au sein du génome, de bivalents droits et d'univalents qui prouvent un défaut d'appariement qui peut être dû à la modification de certains chromosomes.

Ces faits ne sont pas des preuves formelles d'introggression, les phénotypes des plants ne rappelant pas de façon incontestable le type d'addition de leur lignée, et de telles configurations cytologiques n'étant pas impossibles chez *G. hirsutum* lui-même. La fréquence de ces anomalies méiotiques paraît toutefois inhabituelle et celles-ci peuvent donc être considérées comme des présomptions de substitution partielle.

5. LA VARIABILITÉ DES TYPES EUPLOÏDES DANS LES DESCENDANCES DE LIGNÉES D'ADDITION

De façon générale, on peut se poser la question de savoir si l'ADN provenant du matériel génétique placé en supplément dans la cellule ne se trouve pas intégré à l'intérieur des chromosomes de *G. hirsutum*. Si les quantités de matériel chromosomique concernées sont petites, ces introgressions peuvent passer inaperçues au cours d'un examen superficiel du phénotype des plants euploïdes. Une observation, plus poussée, en particulier l'analyse systématique des caractères quantitatifs agronomiques et technologiques, devrait nous renseigner sur un éventuel accroissement de la variabilité de cette population de plants par rapport à une population *G. hirsutum* normale.

Dans le matériel que nous utilisons, la mise en évidence d'une telle hypothèse est délicate, du fait des différentes origines des hexaploïdes qui ont servi à l'isolement des plants d'addition. L'hexaploïde *G. anomalum* provient d'une hybridation de cette espèce avec la variété Acala 4-42. Des variétés Deltapine et Half and Half ont été employées dans le cas de *G. stocksii*. Toutefois, au moment de la création des lignées d'addition, ces deux hexaploïdes ont été recroisés deux fois par la même variété Allen 333-57.

Si nous comparons les écarts types des distributions des valeurs de chaque plant pour des caractères quantitatifs, nous pouvons constater que, sauf pour les critères productivité, uniformité en longueur et allongement, la variance des paramètres est plus élevée dans la population des plants euploïdes issus des lignées d'addition que dans celle d'une variété

G. hirsutum témoin (tabl. 8). Pour avoir une idée de la variation due à l'environnement et aux facteurs génétiques, nous avons choisi d'utiliser un haploïde doublé (HBD 1) créé à Bébedjia (Tchad) où il a été maintenu en autofécondation pendant plusieurs cycles. Un tel témoin doit être utilisé avec prudence, car sa variabilité génétique n'est probablement pas entièrement nulle. D'une part, les générations successives d'autofécondation ont pu conduire à des réarrangements au niveau des gènes de régulation; d'autre part, il n'est pas sûr que les variances d'origine génétique soient nulles chez un haploïde doublé (DEBAEPE *et al.*, 1981).

Sur le tableau 9, nous avons reporté les moyennes des distributions des valeurs mesurant, sur les plants euploïdes issus des ségrégations de nos lignées, les caractères agronomiques et technologiques en 1978. L'analyse de la variance de ces données a été réalisée en comparant :

- les euploïdes de chaque lignée entre eux ;
- les euploïdes des lignées d'addition de *G. anomalum* entre eux ;
- les euploïdes des lignées d'addition de *G. stocksii* entre eux ;
- l'ensemble des euploïdes de *G. anomalum* avec l'ensemble des euploïdes de *G. stocksii*.

Une importante variabilité se manifeste entre tous les types euploïdes de chaque lignée : à l'intérieur des lignées de *G. anomalum*, on peut noter la longueur, la résistance et la ténacité des euploïdes de BI.VIII, plus fortes que celles des euploïdes de

Tableau 8. — Ecart type des distributions des caractères chez les euploïdes comparés à ceux d'une lignée haploïde doublée HBD 1

	Nb de plants anal.	Prod.	% F	Longueur		IM		Stéiomètre	
				2,5 %	UR		IP	T 1	E 1
HBD 1	75	75,38	0,93	0,79	1,84	0,41	3,24	0,39	0,44
Ensemble des plants euploïdes	92	74,29	2,39	1,69	1,87	0,57	6,67	1,30	0,35

Bl.III. A l'intérieur de *G. stocksii*, les euploïdes de E1.I et E1.III ont des rendements en fibre à l'égre-nage et des longueurs plus faibles que ceux de E1.VI et E1.IX, tandis que le micronaire apparaît plus élevé chez E1.III que chez E1.VI. Enfin, Pressley et ténacité sont les plus faibles chez E1.III.

En regroupant les euploïdes des lignées de *G. anomalum* et ceux des lignées de *G. stocksii*, la comparaison doit faire apparaître la différence due aux

fonds géniques utilisés pour la création des hexaploïdes. En fait, l'analyse montre que les écarts apparaissent faibles.

Ce qui indique que les deux croisements par Allen, réalisés au moment de l'isolement des lignées d'addition, ont probablement stabilisé la part de la variabilité due aux divers fonds géniques *G. hirsutum* des hexaploïdes.

Tableau 9. — Variations des caractéristiques quantitatives entre lignées euploïdes issues des lignées d'addition

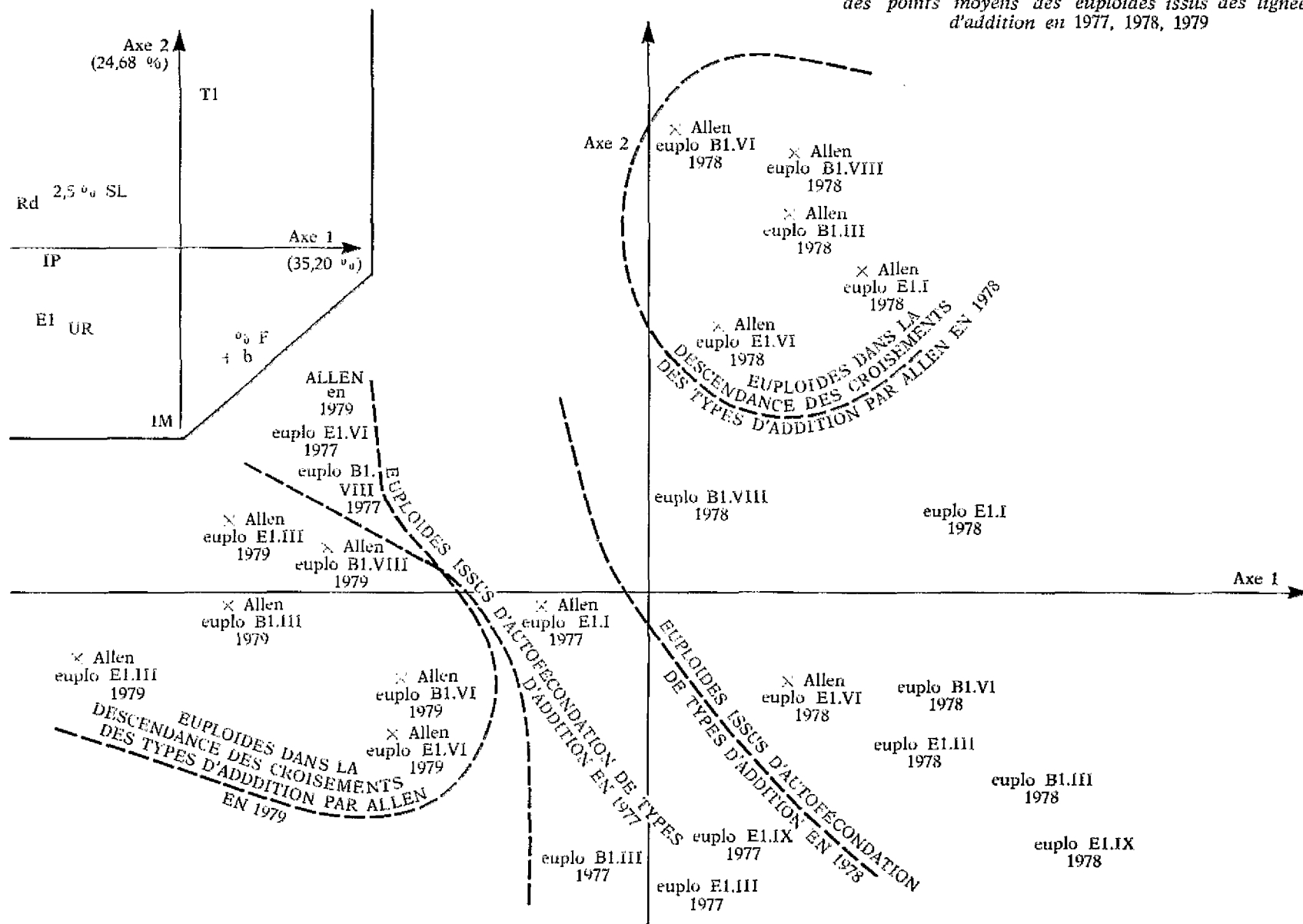
Caractères agronomiques	Nb de plants	H	Nb de gr./cap.	% ovules avortés	S.I.	P.M.C.	Prod.
1977							
Eupl. lig. E1.I	13	119,3	29,9	8,9		5,07	201,7
Bl.III	23	113,7	27,1	17,8	10,2	4,90	175,9
E1.III	24	118,9	29,1	11,3	10,4	5,56	234,1
E1.VI	16	116,1	31,2	13,2	9,9	6,14	295,8
Bl.VIII	3	98,8	32,8	9,8	11,2	6,10	193,9
E1.IX	9	132,9	30,1	10,7	9,8	5,83	259,6
Comparaison des 6 lig...		++	++	++	++	++	++
Comparaison 2 lignées <i>G. anomalum</i>			++	++		++	
Comparaison 4 lignées <i>G. stocksii</i>			VNH			++	+
Comparaison lignée <i>G. anomalum</i> avec lignée <i>G. stocksii</i>		++		++	++		++

Caractères technologiques	Nb de plants	% F	Longueur		IM	IP	Stélomètre		Colorimètre	
			2,5 %	UR			T 1	E 1	Rd	+ b
1977										
Euploïdes lignées										
E1.I	13	35,3	28,6	49,8	4,15	87,8	21,2	7,5	74,2	9,9
Bl.III	23	36,3	27,8	49,8	4,10	87,4	19,4	7,7	73,8	10,2
E1.III	24	37,1	27,8	50,3	4,51	83,0	19,2	7,6	73,3	9,8
E1.VI	16	38,3	30,5	49,8	3,51	86,5	21,1	7,9	73,6	9,1
Bl.VIII	13	34,5	30,4	49,2	3,64	90,9	20,1	7,6	74,7	9,4
E1.IX	9	39,1	29,1	49,1	4,01	85,2	19,5	7,4	73,6	10,5
Comparaison des 6 lignées..		VNH	++		++	++	++	++	++	++
Comparaison 2 lign. <i>G. ano-</i> <i>malum</i>		++	++		+		++			VNH
Comparaison 4 lign. <i>G. stock-</i> <i>sii</i>		VNH	++		++		++		++	++
Comparaison lignée <i>G. ano-</i> <i>malum</i> avec li- gnée <i>G. stocksii</i>		VNH				++		VNH		

+: sig. à $P < 0,05$; ++: sig. à $P < 0,01$.

VNH: variances non homogènes.

Tableau 10. — Analyse en composantes principales des points moyens des euploïdes issus des lignées d'addition en 1977, 1978, 1979



Une analyse en composante principale a été réalisée à partir des valeurs moyennes des différentes lignées euploïdes obtenues au cours de trois années d'expérimentation, 1977, 1978 et 1979, considérées séparément. Seuls les deux premiers axes ont été figurés ici (tabl. 10). On peut noter la très forte variation annuelle qui conduit les points représentatifs des euploïdes de chaque lignée à occuper des secteurs différents du tableau. Pour l'année 1977, seuls des euploïdes isolés dans les descendance directes des lignées d'addition ont été analysées. En 1978, nous avons disposé simultanément de plants euploïdes provenant des lignées d'addition autofécondées et de lignées croisées par Allen. Il semble, d'après ce graphique, que le croisement par Allen conduit à un regroupement des points représentatifs de chaque lignée qui apparaissent moins dispersés que ceux figurant les plants issus de descendance directe. En 1979, nous ne disposions que de résultats concernant des descendance de plants croisés par Allen et de cette variété elle-même : les points apparaissent regroupés, proches du témoin.

Cette analyse semble donc prouver, d'une part, l'effet stabilisateur de la variété récurrente utilisée au cours de la création des lignées d'addition ; d'autre part, l'existence d'une variabilité importante à l'intérieur des euploïdes descendant des types monosomiques autofécondés.

L'analyse du tableau 10 permet également de constater que les moyennes des plants euploïdes issus de descendance autofécondée des types d'addition monosomique se placent de façon ressemblante en 1977 et 1978 (les euploïdes des lignées E1.VI, B1.VIII et E1.I se trouvent au-dessus de ceux de B1.III, E1.III et E1.IX). L'axe 1 est corrélé négativement avec la résistance, la réflectance, l'allongement, la longueur et l'uniformité, et positivement avec l'indice de jaune et le rendement en fibre. L'axe 2 est surtout défini par la ténacité en valeur positive et l'indice micronaire en valeur négative. On peut déduire de la signification de ces axes que le groupe des euploïdes B1.III, E1.III et E1.IX se caractérise par des micronaires relativement élevés et de meilleurs rendements en fibre, tandis que E1.VI, B1.VIII et E1.I bénéficient de meilleures longueurs, de plus fortes ténacités ou résistances et de colorimétries supérieures.

Les caractéristiques des plants euploïdes ne vont pas toujours dans le sens du chromosome d'addition de la lignée dont ils sont issus ; si certaines

peuvent effectivement le rappeler (micronaire de E1.III, ténacité de E1.VI), d'autres semblent avoir été modifiées de façon inverse (faible ténacité de E1.III, rendement en fibre et longueur élevés de E1.VI, faible longueur de B1.VIII, bon micronaire de E1.IX).

Le déterminisme génétique des facteurs quantitatifs analysés est donné pour être fort complexe. Le fait que les caractéristiques des lignées euploïdes n'aillent pas toujours dans le sens des chromosomes d'addition n'est pas un argument contre l'existence d'introggression. Nous avons déjà pu observer que les caractères quantitatifs des lignées dont on est sûr de la substitution peuvent parfois évoluer dans le sens inverse de celui attendu à partir de la connaissance de l'addition monosomique (rendement en fibre de B1.V et E1.V, par exemple).

Les différentes origines des hexaploïdes qui ont été utilisés pour la création des lignées ne devraient pas permettre d'expliquer cette variabilité. Les deux « backcross » par la variété Allen auraient dû réduire l'influence du reliquat de gène provenant des variétés américaines.

Une constatation plaide en faveur d'une origine interspécifique de la variabilité constatée : les euploïdes des lignées d'addition de *G. anomalum* sont moins bien équilibrés, sur le plan agronomique, que ceux de *G. stocksii* (pourcentage d'ovules avortés significativement plus élevé, poids moyen capsulaire plus faible), ce qui est tout à fait en accord avec la plus grande facilité pour les chromosomes du génome B de s'apparier avec ceux de *G. hirsutum* que pour ceux du génome E.

Il est possible que la variabilité de nos types euploïdes soit d'origine interspécifique. Reste à déterminer à quel stade les introgressions auraient pu se produire : hexaploïde, pentaploïde ou lignées d'addition. Il sera difficile de trancher, dans la mesure où l'étude des plants euploïdes des descendants de ces lignées n'a pas été réalisée dès le début de l'isolement des types d'addition. Notons toutefois que, si des figures multivalentes peuvent être observées au niveau hexaploïde et pentaploïde, une sélection gamétique semble se produire qui élimine les gamètes recombinés (SCHWENDIMAN *et al.*, 1980), ce qui permet de fournir un argument à l'hypothèse des transferts de matériel génétique pendant le stade de l'addition monosomique.

6. CONCLUSION

La fréquence d'apparition des introgressions dans la descendance des types d'addition est non négligeable

Bien que les associations multivalentes entre chromosomes de *G. hirsutum* et chromosomes en supplément dans la cellule apparaissent rarement en métaphase I de la méiose, il est remarquable de constater après 17 générations d'autofécondation (pour les

lignées *G. anomalum*) et 13 (pour les lignées *G. stocksii*) l'existence de types manifestement introgressés du chromosome d'addition et, de façon plus générale, d'une large variabilité à l'intérieur de la population euploïde.

En fait, l'appariement de l'univalent en métaphase I ne nous donne aucune indication sur ce qui a pu se produire à des stades antérieurs. MURSAL *et al.* (1976)

montrent qu'aux stades diplotène et pachytène, les échanges sont plus nombreux entre chromosomes qu'en métaphase I. Le phénomène de l'amélioration des taux de transmission traduit peut-être une participation accrue du chromosome d'addition aux mécanismes de la méiose, grâce à de plus grandes affinités acquises à la faveur de petits échanges de matériel avec ses homéologues de *G. hirsutum*.

L'introgression apparaît, en définitive, comme un phénomène moins rare qu'on aurait pu le craindre, ce qui donne toute leur valeur aux lignées d'addition pour tenter leur utilisation dans l'amélioration du cotonnier.

Une introgression à partir d'une autre espèce débouche sur des résultats variés et parfois imprévisibles

Dès lors que l'on aborde les techniques d'hybridation interspécifique, les résultats qui vont être obtenus ne sont pas tous prévisibles. On peut remarquer, par exemple, que les espèces sauvages, bien que dépourvues de fibre sur la graine, possèdent des gènes qui influent sur les qualités technologiques de *G. hirsutum*.

Après une introgression, l'action d'un gène, ses interactions épistatiques avec les autres gènes de *G. hirsutum*, sa position à l'issue de la recombinaison qui lui a permis de s'introduire sur le chromosome receveur, conduisent à redéfinir un nouveau système de fonctionnement de la cellule. Les modifications de certaines caractéristiques qui en résultent ne sont pas obligatoirement les mêmes que celles apparues au niveau de la lignée d'addition, c'est-à-dire lorsque le gène était placé dans une position différente et confronté à d'autres gènes lui permettant de développer d'autres interactions.

La quantité et la qualité du matériel chromosomique qui participe à l'introgression influent aussi sur le résultat de la substitution. Certains gènes favorables ou défavorables peuvent être exclus du fragment de chromosome impliqué dans la translocation. C'est ainsi que l'on peut voir apparaître, à partir d'un même chromosome d'addition, plusieurs types de substitution partielle différents.

Utilisation en sélection de la technique des lignées d'addition

Nous savons que la seule possibilité d'application pratique des lignées d'addition réside dans l'existence d'échanges de matériel génétique entre le chromosome en supplément et les chromosomes de *G. hirsutum*. Les races d'addition disomiques sont rarement stables et manifestent toujours une vigueur extrêmement réduite qui interdit la possibilité de création d'un nouveau type de plant à 27 paires de chromosomes.

Une première technique d'utilisation des descendants des lignées d'addition est la recherche de plants remarquables : soit tête de lignée pour une sélection généalogique, soit plant à caractéristiques extraordinaires utilisables comme géniteurs. Parmi les types introgressés découverts, la lignée B1.V à très fort micronaire et port rablé pourrait être utilisée, par exemple, en vue de la création de F1 avec *G. barbadense*, afin de réduire l'effet de l'hétérosis négatif enregistré habituellement dans les croisements entre les deux tétraploïdes cultivés.

Dans cette optique, notre matériel n'est pas entièrement connu. En effet, notre collection pourrait être testée pour une résistance éventuelle à certaines maladies (virescence du cotonnier, par exemple, pour laquelle on ne connaît aucun moyen de lutte génétique) ou à certains prédateurs (acariens pour lesquels des niveaux différents de tolérance semblent exister).

Une seconde technique d'utilisation de la population des plants euploïdes issus des lignées d'addition peut être envisagée par l'exploitation des éventuels effets d'interaction entre les gènes nouveaux introduits et ceux du cotonnier. La recherche d'effets d'épistasie pourrait être tentée de façon simple avec les schémas de sélection récurrente et aboutir à la mise en évidence de plants possédant des caractères à des niveaux inconnus chez le cotonnier.

BIBLIOGRAPHIE

1. DE PAEPE R., D. BLETON and F. GNANGBE, 1981. — Basis and extent of genetic variability among double haploid plants obtained by pollen culture in *Nicotiana glauca*. *TAG*, 59, 177-184.
2. MURSAL I.E.J. and J.E. ENDRIZZI, 1976. — A reexamination of the diploid like meiotic behaviour of polyploid cotton. *TAG*, 47, 171-178.
3. POISSON C., 1967. — Sur les possibilités de transférer du matériel génétique du cotonnier sauvage *G. anomalum* à l'espèce cultivée *G. hirsutum*. II: Création de lignées d'addition à 27 paires de chromosomes. *Cot. Fib. trop.*, 22, 3, 401-413. III: Mise en évidence d'un facteur intervenant dans la production de chlorophylle sur le chromosome I de *G. anomalum*. *Cot. Fib. trop.*, 22, 4, 431-433.
4. POISSON C., J. SCHWENDIMAN, P. KAMMACHER, 1969. — Mise en évidence d'une homéologie chromosomique entre *Gossypium anomalum* Waw. et Peyr. et *G. stocksii* Mast. *Cot. Fib. trop.*, 24, 469-471.

5. POISSON C., 1970. — Contribution à l'étude de l'hybridation interspécifique dans le genre *Gossypium*: transfert de matériel génétique de l'espèce sauvage diploïde *G. anomalum* à l'espèce cultivée *G. hirsutum*. Thèse Doct. ès Sciences, Orsay, 1-76.
6. SCHWENDIMAN J., 1974. — Mise en évidence de trois nouvelles homéologies chromosomiques entre *Gossypium anomalum* et *Gossypium stocksii*. *Can. J. Genet. Cytol.*, 16, 871-881.
7. SCHWENDIMAN J., 1978. — L'amélioration du cotonnier *G. hirsutum* par hybridation interspécifique: utilisation des espèces *G. barbadense* et *G. stocksii*. Thèse Orsay n° 1952.
8. SCHWENDIMAN J., E. KOTO et B. HAU, 1980. — Considérations sur l'évolution de l'appariement chromosomique chez les allohexaploïdes de cotonniers (*G. hirsutum* × *G. stocksii*) et (*G. hirsutum* × *G. longicalyx*) et sur la position taxonomique de *G. longicalyx*. *Cot. Fib. trop.*, 35, 3, 269-275.

SUMMARY

A collection of additive lines of chromosomes from *G. anomalum* and *G. stocksii* was repeatedly self-fertilized through 17 and 13 generations respectively at Bouaké (Ivory Coast). The entire population was examined. At the karyological level few modifications were noted with regard to the additive chromosomes apart from the appearance of relatively stable disomic lines in which the occurrence of 27 bivalents was almost systematic. Study of the rate of transmission seemed to demonstrate an improvement in the passage of the supernumerary chromosome, in comparison with initial generations, although expla-

nation of this phenomenon is difficult. Finally, amongst plants with a normal chromosome complement some occur that are obviously introgressed forms of the additive chromosome of the original line, whilst others have an apparently different genotype from that of a normal cotton plant. In general, once the plants of unusual phenotype have been removed, the entire euploid population is found to exhibit an apparently greater variability than that of a pure cotton line. This latter observation provides ample justification for use of the additive lines technique in cotton breeding.

RESUMEN

Una colección de líneas de adición de cromosomas de *G. anomalum* y de *G. stocksii* fué mantenida en autofecundación en Bouaké (Costa de Marfil) durante respectivamente 17 y 13 generaciones. El conjunto de ésta población fué estudiado. Al nivel cariológico se registraron pocas modificaciones en cuanto se refiere a los cromosomas en adición, aparte la aparición de líneas disómicas casi estables en las cuales la aparición de 27 bivalentes es prácticamente sistemática. El estudio del porcentaje de transmisión parece evidenciar un mejoramiento del paso del cromosoma supernumerario con respecto a las primeras generaciones, pero la explicación de este fenómeno

continúa siendo difícil. Finalmente entre las plantas de guarnición cromosómica normal, se descubren tipos manifiestamente introgressados del cromosoma de adición de la línea de la que proceden, pero también de otros tipos de plantas de genotipo aparentemente diferente del de un algodón normal. De una manera más general, el conjunto de la población euploide una vez separadas las plantas de fenotipo notable, expresa una variabilidad aparentemente más importante que la que se puede registrar en una línea pura de algodón. Esta última comprobación confiere todo su sentido a la técnica de las líneas de adición para el mejoramiento del algodón.